

# ПОЛІМОРФІЗМ 5S рДНК ПРЕДСТАВНИКІВ РОДИНИ DIAPRIIDAE (HYMENOPTERA, DIAPRIOIDEA, DIAPRIIDAE)

Л. І. Тимочко, А. А. Бринзак

Чернівецький національний університет імені Юрія Федьковича, вул. Коцюбинського, 2, Чернівці, 58001, Україна

Діапріїди – одна з важливих у практичному відношенні група паразитичних перетинчастокрилих, яка на сьогоднішній день залишається недостатньо вивченою на теренах України. Окрім встановлення видового складу діапріїд та з'ясування їх екологічних особливостей, представляє інтерес дослідження поліморфізму представників родини як на морфологічному, так і на молекулярному рівні. На сьогодні, 5S рДНК використовується в якості молекулярного маркера для встановлення філогенетичних зв'язків низки груп організмів, в т.ч. комах, однак структура та поліморфізм цієї ділянки ДНК у діапріїд залишаються майже невивченими. Метою нашої роботи було дослідження поліморфізму та з'ясування видоспецифічних особливостей організації 5S рДНК представників різних підродин родини діапріїд.

Збір матеріалу проводили за загальноприйнятими в гіменоптерології методиками впродовж весняно-осінніх періодів 2011-2013 років в різних рослинних формаціях лісостепової зони України.

З метою дослідження морфологічного поліморфізму проводили вимірювання дев'яти морфологічних параметрів (довжина костальної жилки (ДКЖ), довжина та висота голови (ДГ та ВГ відповідно), довжина та ширина петіоля (ДП та ШП відповідно), довжина та ширина скапуса (ДСк та ШСк відповідно) і довжина та ширина ока (ДО та ШО відповідно)) двох найбільш поширених видів з різних підродин: *Belyta sanguinolenta* Nees та *Trichopria inermis* Kieffer. Опис вибіркового розподілу даних представлено у вигляді медіани, верхнього та нижнього квартилів. Достовірність відмінностей між вибірками підтверджували за допомогою критерію Манна-Уїтні та критерію Стьюдента.

Виділення ДНК із тваринного матеріалу проводили за загальноприйнятою методикою. Ампліфікацію послідовності 5S рДНК здійснювали методом полімеразної ланцюгової реакції (ПЛР), для чого застосовували праймери RV 0804 та RV0803, які комплементарні до ділянок кодуєчої послідовності 5S рДНК [1; 2].

При порівнянні морфологічних параметрів *T. inermis* та *B. sanguinolenta* діапріїд статистично достовірні відмінності виявлені за всіма показниками (табл.).

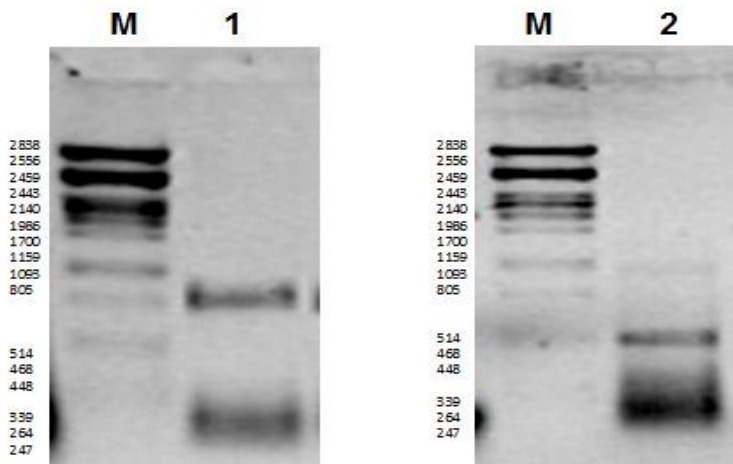
Порівняння спектру продуктів ампліфікації 5S рДНК досліджуваних видів також засвідчило існування значного поліморфізму на молекулярному рівні, що виражається у відмінностях як кількості отриманих продуктів ампліфікації, так і їх довжин (рис. 1).

Таблиця

Морфометричний аналіз діапріїд

Промір	ДКЖ	ДГ	ШГ	ДП	ШП
	Me [25%;75%]				
<i>B.sanguinolenta</i>	75,0 [71,0;85,0]	35,0 [34,0;38,0]	35,0 [30,0;37,0]	25,0 [23,0;28,0]	14,0 [13,0; 15,0]
<i>T. inermis</i>	30,0 [27,0;33,0]*	21,0 [19,0;23,0]*	22,0 [20,0;23,0]*	10,0 [8,0; 11,0]*	8,0 [6,0; 8,0]*
<i>B.sanguinolenta</i>	25,0 [23,0; 33,0]	6,0 [5,0;7,0]	16,0 [15,0; 18,0]	16,0 [15,0; 18,0]	
<i>T. inermis</i>	14,0 [12,0;16,0]*	4,0 [3,0; 4,0]*	12,0 [10,0; 13,0]*	12,0 [11,0; 13,0]*	

Примітка: \*- різниця достовірна ( $p < 0,05$ )



1- *Trichopria inermis*

2- *Belyta sanguinolenta*

Рис. 1. Електрофореграма продуктів ПЛР 5S рДНК.

Так, у геномі *T. inermis* виявлено ПЛР-ампліфікати повторюваної послідовності 5S рДНК довжиною близько 800 п.н., тоді як для *B. sanguinolenta* характерні фрагменти розмірами орієнтовно 1000 та 500 п.н. Отже, дослідженим видам з різних підродин діапрійд притаманний значний поліморфізм як на морфологічному, так і на молекулярному рівнях.

З'ясування поліморфізму в межах окремих підродин та родів дасть змогу детальніше з'ясувати філогенетичні зв'язки в межах родини.

#### Література

1. Маниатис Т. Молекулярное клонирование. Методы генетической инженерии / Т. Маниатис, Э. Фрич, Дж. Сэмбрук; пер. с англ. – М.: Мир, 1984. – 479 с.
2. Реброва О. Ю. Статистический анализ медицинских данных. Применение пакета прикладных программ STATISTICA / О. Ю. Реброва – М.: МедиаСфера, 2003. – 312 с.